博斯腾湖人工湿地中微生物群落空间分布特征①

付家晖[1,2]， 薛娜娜[1,2]， 潘响亮[1,3]
（1. 中国科学院新疆生态与地理研究所，新疆 乌鲁木齐 830011；2. 中国科学院大学，北京 100049；
3. 浙江工业大学环境学院，浙江 杭州 310014）

摘 要： 博斯腾湖人工湿地是典型的多级表面流污水人工湿地处理系统。本研究采集博斯腾湖人工湿地各级子系统进水和出水口的水样及沉积物，通过高通量测序技术，分析了多级湿地系统中水和沉积物中的微生物群落空间分布特征。结果表明：总体上人工湿地沉积物中的微生物多样性和丰度高于水体。在多级湿地系统中微生物群落丰度及多样性自入口起始，先增加后由潜流湿地排入博斯腾湖后减小。水中核心门类为变形菌门（Proteobacteria）、厚壁菌门（Firmicutes）、放线菌门（Actinobacteria）及浮霉菌门（Planctomycetes）。其中变形菌门整体呈上升趋势，从初始进水口的 59.11% 上升至最终出水口的 84.80%，而厚壁菌门类整体呈下降趋势，从 24.05% 降至 6.83%。但厚壁菌门类细菌仍是优势菌种，这表明该门类细菌在废水处理系统中是优势菌种。沉积物中变形菌门类和厚壁菌门类细菌依然占主导地位，厚壁菌门类细菌丰度也是先增加后减少，而变形菌门类细菌整体上随处理深度呈下降趋势；拟杆菌门（Bacteroidetes）和绿弯菌门（Chloroflexi），两者在整个处理过程中呈现出完全相反的趋势。尽管水和沉积物中优势门类细菌均为变形菌门，并且最主要的功能类群均为氨基酸运输和代谢，但微生物群落整体结构及功能仍显著不同。

关键词： 人工湿地；微生物群落；生物多样性；水体；沉积物；博斯腾湖

湿地生态系统是由湿地植物、动物、微生物及其周边环境构成的有机整体。它具有调节水流、涵养水源及保护生物多样性的功能，因此被认为是良好的水陆过渡带[1]。人工湿地是人为建造的可控污水处理系统。通过结合物理作用（如沉淀、过滤、吸附）、化学作用（如离子交换）、生物作用（如植物吸收）和微生物分解作用，人工湿地可以高效去除污水中的污染物[2-4]。在内陆干旱区由于水资源极其匮乏，加之农业用水需求量较大，水高效可持续循环利用是突破水资源瓶颈的有效途径。而人工湿地污水处理系统具有投资少、能耗低、增加绿化面积等优势[5]，在内陆干旱区的污水资源化过程中具有重要作用和良好的可推广性。因此，人工湿地的稳定运行对内陆干旱区水资源循环利用具有重要意义。

虽然新疆湖泊湿地众多，但由于地处内陆干旱区，降水补给少且地表水蒸发量大[6]，水资源的统筹使用面临巨大压力。且工农业高速发展，对水资源的需求量也相应增加，加之不合理的开发利用，使得新疆湿地生态系统面临着严重的威胁。博斯腾湖是我国最大的内陆湖，是新疆巴音郭楞蒙古自治州超百万人口的饮用水源及下游工农业主要水源[7]。然而，新疆博斯腾湖流域的湿地总面积在 1990—2010 年间减少了 16.24%[8]。芦苇是博斯腾湖湿地的优势种[9]，在湿地环境保护方面具有重要作用[10-12]。朱长明等[8]发现，在 1990—2010 年间芦苇沼泽面积减少近 3×10^6 hm^2。这将加剧当地水资源危机，严重危害当地的生态环境，使水安全问题更为严重。因此，在自然湿地严重退化的背景下，人工湿地的稳定运行对当地污水资源化处理具有重要作用[13]。

博斯腾湖人工湿地是典型的多级表面流污水人工湿地处理系统。表面流人工湿地处理污染物的效果受多因素协同作用影响，如植被、基质、温度、运行条件、碳源补充，以及具脱氮除磷作用的微生物[14]。有研究表明，微生物可以显著影响人工湿地系统中营养元素循环[15-16]。微生物可以影响湿地沉积环

① 收稿日期：2019-05-09； 修订日期：2019-05-27
基金项目：新疆维吾尔自治区重点研发计划项目（2017B03014，2017B03014-1，2017B03014-2）；国家自然科学基金-新疆联合基金重点项目（U1503281，U1703243）
作者简介：付家晖（1990-），女，硕士研究生，研究方向为耐药基因. E-mail：825258996@qq.com
通讯作者：潘响亮. E-mail：xiangliangpan@163.com

境中的酶活性[17]，并通过处理底泥中的污染物来达到净化水体的目的[18]。因此，微生物在人工湿地净化污水中有机污染物、转化养分和吸附重金属起重要作用。蒋旭瑶等[19]研究发现，湿地植物根系微生物丰富程度在夏季要显著高于冬季。陈强[20]研究发现，当人工湿地种植芦苇时，微生物的丰度在20 ℃时达到最大值。本文以博斯腾湖多级芦苇人工湿地为研究对象，重点关注在夏季时该人工湿地生态系统中微生物群落在各级子系统中的空间分布特征，以期初步了解湿地中污染物的微生物净化机制与途径。

1 材料与方法

1.1 样品采集

2018 年 8 月分别于博斯腾湖表面流人工湿地的各级子系统的进水口、出水口附近采集水样、沉积物样品。采样点根据人工湿地中污水流向设置，从入口 S0 依次流经 S1、S2、S3、S4、S5、S6 最终从出口 S7 排出，进入博斯腾湖(图 1)。每个样点采集约 5 L 水样以及1 kg沉积物样本。将采集的水样样本现



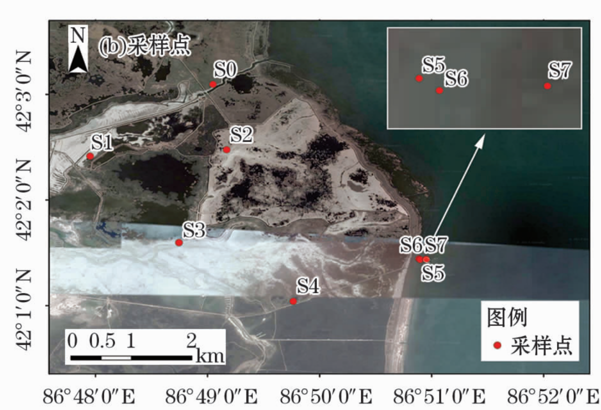


图 1 博斯腾湖人工湿地景观及采样点位置示意图

Fig. 1 Typical landscape and sampling locations map of the constructed wetland of the Bosten Lake

场用 0.22 μm 的玻璃纤维滤膜进行抽滤。将滤膜装入灭菌的离心管中冷冻保存，连同冷冻保存的沉积物样品运输至实验室后，于 -80 ℃保存以待后续实验。沉积物样品运输至实验室后，于 -80 ℃保存以待后续实验。

1.2 高通量测序

将冷冻保存的样品干冰保存送往生工生物工程(上海)股份有限公司。DNA 提取使用 E. Z. N. ATM Mag-Bind Soil DNA Kit 试剂盒(OMEGA)。DNA 样品浓度由 Qubit 2.0 Fluorometer 进行检测，合格后进行 PCR 扩增。本研究 16s rRNA 基因 PCR 扩增区域为 V3 ~ V4 高度可变区(341F-CCTACGGGNGGCWGCAG;805R-GACTACHVGGGTATCTAATCC)。使用 MiSeq PE250 对纯化后的 PCR 产物进行测序。测序结果去接头序列后使用 Usearch 去除嵌合体及非特异性扩增序列。在 97% 相似度下获得物种分类单元(Operational Taxonomic Units，OTU)。

1.3 数据处理

样点图的绘制使用 ArcGIS 软件完成。微生物多样性指数使用 Mothur 计算。微生物群落门水平的群落结构组分图由 R3.5.3 软件包“ggplot2”绘制[21]。微生物分类及系统发育信息可视图使用 GraPhlAn 绘制[22]。使用 PICRUSt 软件对不同样本微生物群落代谢功能进行预测[23]。

2 结果与讨论

2.1 多级表面流芦苇人工湿地生态系统微生物多样性

根据测序的结果，对样品的 α 多样性指数进行计算(表 1)。Chao1 指数可反应细菌群落的丰度信息。Simpson 指数则可以反应群落的多样性。沉积物中的微生物丰度显著高于水体。除了 S0 以外，S1 ~ S7 样点沉积物微生物多样性要高于水环境。这可能是因为相对于水体的流动性，沉积物为微生物提供了一个相对稳定的生存环境。而 S0 为污水入口，使沉积环境中积累了各类污染物[24]，导致可生存微生物类别较水体环境中少。在水环境中，S3 处微生物丰度是一个相对离散的点，推测该点受周边农业区的影响较大。

此外，在人工湿地生态系统水环境和沉积环境中，微生物群落的丰度及多样性水平呈现倒“V”形。系统中微生物群落丰度及多样性自入口起

始,呈先增加后由潜流湿地排入博斯腾湖后减小。这可能与博斯腾湖多级表面流芦苇人工湿地生态系统的污水处理过程有关。污水进入系统后水质逐步得到改善,使得水环境及沉积环境中微生物群落更加丰富多样化。然而,在靠近出水口处受博斯腾湖水体的回灌影响,人工湿地系统中经处理过的水体被未经处理的博斯腾湖水体所稀释,由此影响并改变了样点处水体及沉积物中的微生物群落结构。

表 1 人工湿地水和沉积物样品中微生物群落的 alpha 多样性指数

Tab. 1 Alpha diversity index table of water and sediment samples in the constructed wetlands

样品	水体		沉积物	
	Chao1 指数	辛普森指数	Chao1 指数	辛普森指数
S0	707.87	0.08	2 365.714	0.511 292
S1	1 344.07	0.09	3 873.645	0.054 736
S2	1 223.40	0.07	2 777.766	0.048 078
S3	779.21	0.16	3 564.363	0.028 308
S4	1 288.12	0.07	3 838.109	0.031 119
S5	1 587.15	0.04	4 572.254	0.046 439
S6	1 071.69	0.17	3 728.119	0.025 459
S7	859.98	0.37	2 357.845	0.025 459

2.2 多级表面流芦苇人工湿地生态系统微生物群落结构特点

2.2.1 人工湿地生态系统门类水平结构组成 在 97% 的相似度水平下,博斯腾湖人工湿地所有水样样本中共获得了 353 320 个分类单元(OTU)。水样门类水平所有样本群落结构分布图(图 2),反应了人工湿地处理系统中不同位置微生物群落结构的显著差异。在处理系统水体环境中核心门类为变形菌门(Proteobacteria)、厚壁菌门(Firmicutes)、放线菌门(Actinobacteria)及浮霉菌门(Planctomycetes)。其中变形菌门整体呈上升趋势,从入水 S0 处的 59.11% 上升至出水 S7 处的 84.80%。一些研究表明,变形菌门类细菌是各类自然水体(湖、湿地、河流)和人工水体(饮用水、矿泉水、污水)等的主要细菌[25]。而厚壁菌门类整体呈下降趋势,从入水 S0 处的 24.05% 降至出水 S7 处的 6.83%。但厚壁菌门类细菌仍是优势菌种,这表明该门类细菌在废水处理系统中是优势菌种[26-27]。此外,放线菌门类细菌丰度随着污水处理深度的增加先增加,在 S3 处达到峰值后急剧减少。与此相反的是浮霉菌门类细菌,在 S0 ~ S3 处丰度不高,然而在 S4 与 S5 处显著增加,之后其丰度受博斯腾湖水体回灌的影响而减小。

博斯腾湖人工湿地所有沉积物样本中共获得了 415 348 个 OTU(图 3)。相较水环境而言,整个处理系统沉积环境中变形菌门类和厚壁菌门类细菌依然占主导地位。与水环境中微生物群落相同的是厚壁菌门类细菌丰度在整个处理系统中呈先增加后减少。然而,变形菌门类细菌在各采样点在多级处理池中随着处理的深入,整体呈下降趋势。值得注意的是拟杆菌门(Bacteroidetes)和绿弯菌门(Chloroflexi),两者在整个处理过程中呈现出完全相反的趋势。其中,拟杆菌门类丰度随处理深度呈增加趋势,在 S4 处达到峰值后急剧减少,之后又呈现出显著增加的趋势。而绿弯菌门类细菌丰度则呈相反趋势。

在博斯腾湖人工湿地生态系统中,水体与沉积环境中的优势门均是变形菌门。这是因为变形菌门类细菌在生物脱氮除磷以及多种污染物处理方面具有重要作用[28]。Ye 研究发现[29],厚壁菌门在城市污水处理过程中具有重要作用,而其在整个博斯腾湖人工湿地处理系统中也占据相对较高的丰度。在沉积物中,绿弯菌门丰度显著高于水体。这是因为绿弯菌门可参与枯枝落叶分解的碳循环过程中[30]。其他门类细菌丰度在水体及沉积物中存在显著差异(图 2 和图 3)。这与沉积物对污染物有更强的吸附性等因素有关,污染物吸附在沉积物上,导致细菌群落结构发生改变,从而导致水样与沉积物样本细菌群落结构的差异性。有研究表明,环境因素和空间距离是塑造微生物群落和功能基因的重要驱动因素[31-33],这一结果也印证了本研究中水样及沉积物细菌群落空间结构的差异性。

2.2.2 人工湿地生态系统属类水平结构组成 由图 4 可知,水体所有样本(图 4a)在变形菌门属水平不动杆菌属(*Acinetobacter*)丰度最高,其次是嗜冷杆菌属(*Psychrobacter*)、假单胞菌(*Pseudomonas*)。厚壁菌门中的副球菌属(*Planococcus*)丰度最高,微小杆菌属(*Exiguobacterium*)次之。放线菌门中的红细菌(*Rhodoluna*)丰度最高。进一步分析沉积物样本(图 4b),变形菌门中 *Sulfurovum* 属丰度最高,*Pseudomonas* 属次之,厚壁菌门中的 *Paenisporosarcina* 属

丰度最高，*Proteiniclasticum* 属次之。拟杆菌门中的 *Gillisia* 属丰度最高，*Flavobacterium* 属次之。各样本优势菌属基本是一致的，无论样本的总和还是单个样本其在优势菌属的趋势基本一致。在沉积物中（图 4b），在属水平下硫单胞菌属（*Sulfurimonas*）丰度最高，其次是硫杆菌属（*Thiobacillus*）。这与多处人工湿地及自然湿地的研究结果相一致[34]。在城市污泥处理过程中，硫杆菌属可以将还原态硫氧化为单质硫，从而获取能量，进而去除污泥中的重金属[35]。

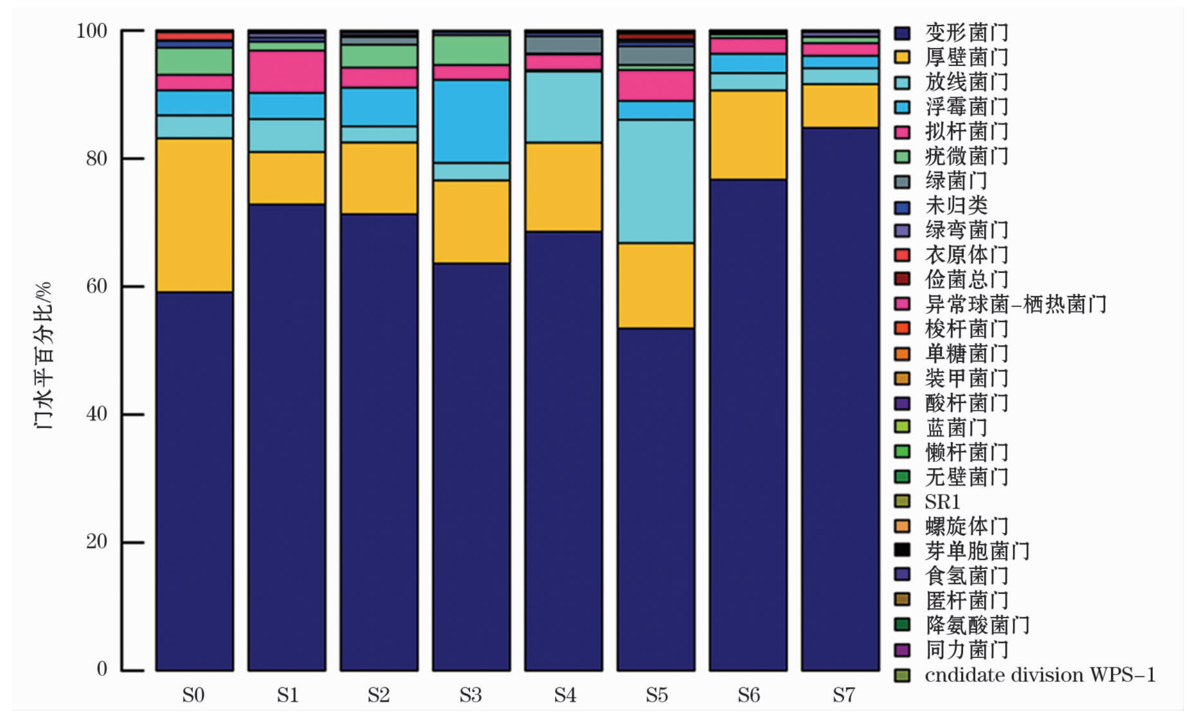


图 2　人工湿地水环境中细菌的门类水平样本群落结构

Fig. 2　Variation structure of microbial community in the water environment at the phylum level

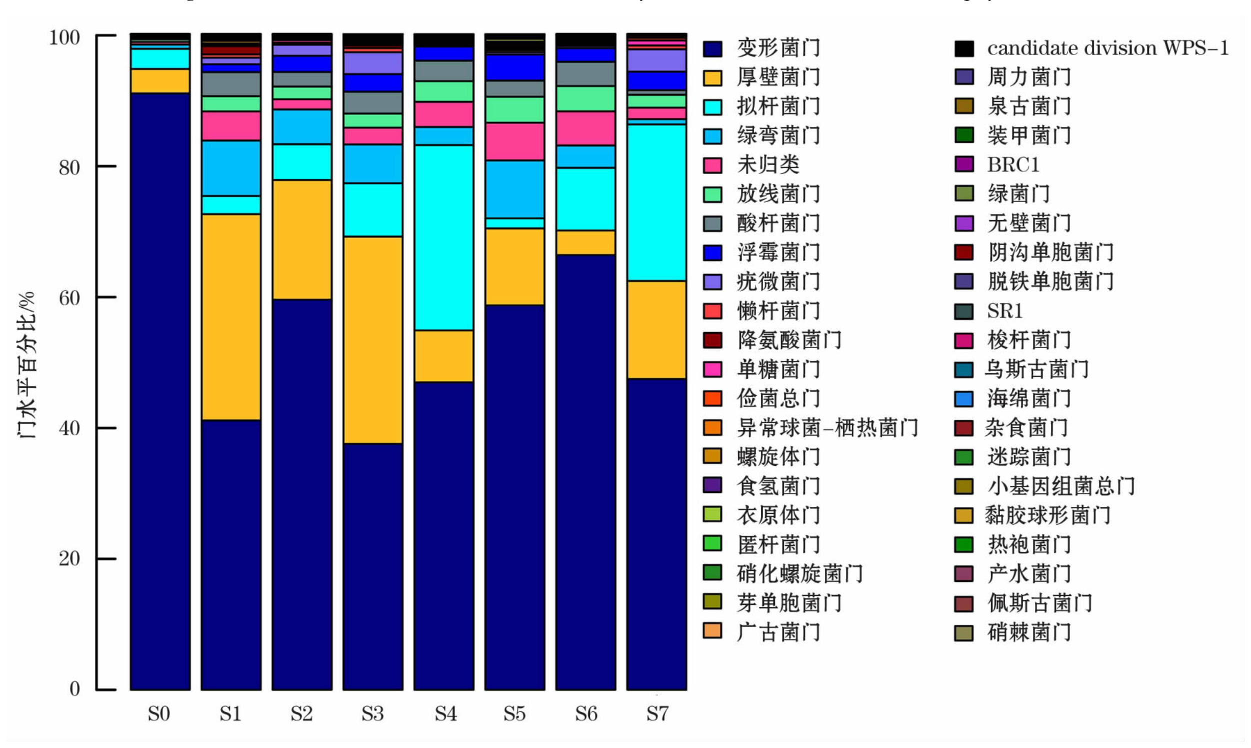


图 3　人工湿地沉积物中细菌的门类水平样本群落结构

Fig. 3　Variation structure of microbial community in the sediment at the phylum level

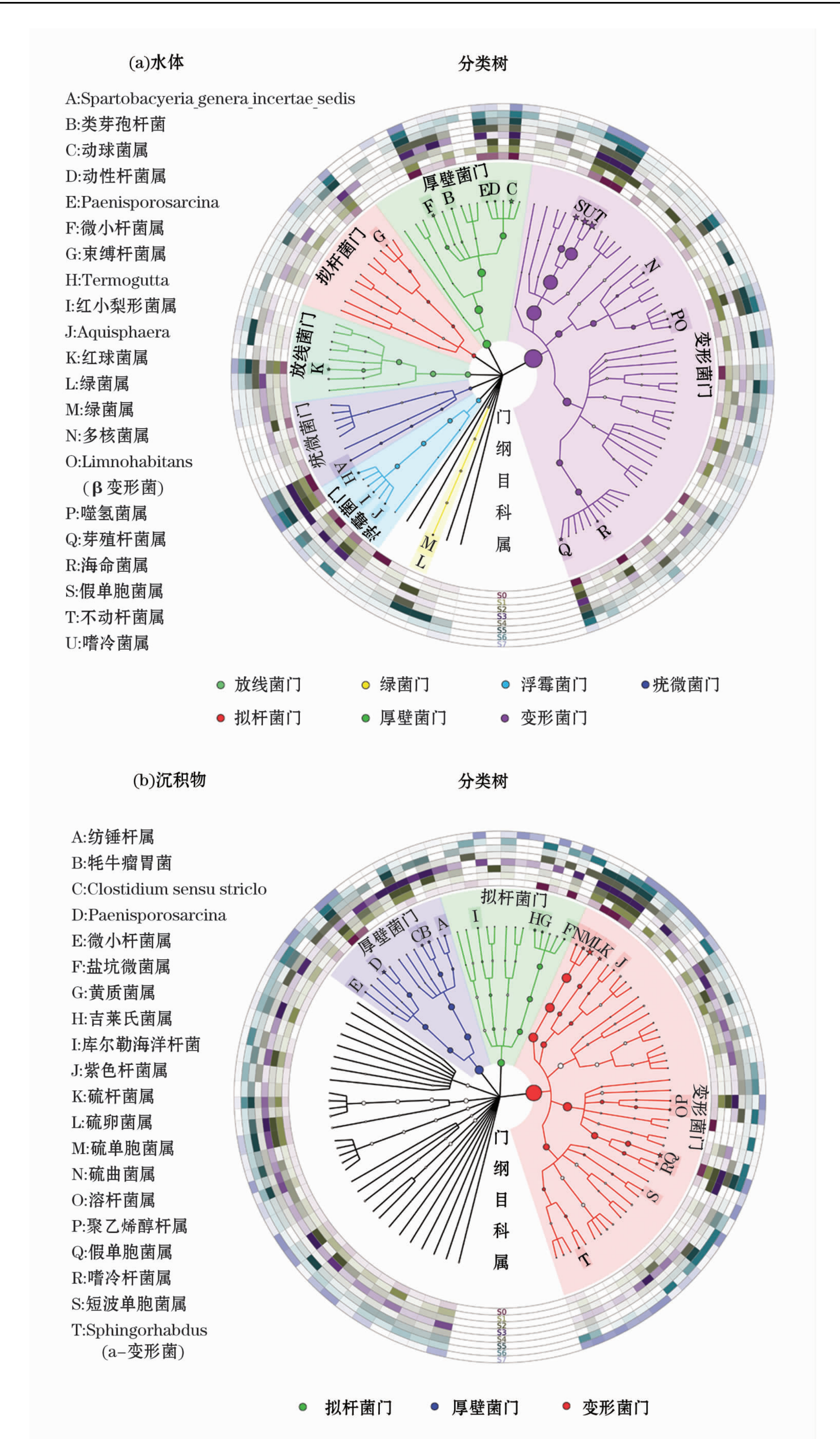


图 4 人工湿地处理系统中水和沉积物中微生物分类及系统发育信息可视图

Fig. 4 Visualization of annotated phylogenies and taxonomies in water environment (a) and sediment (b)

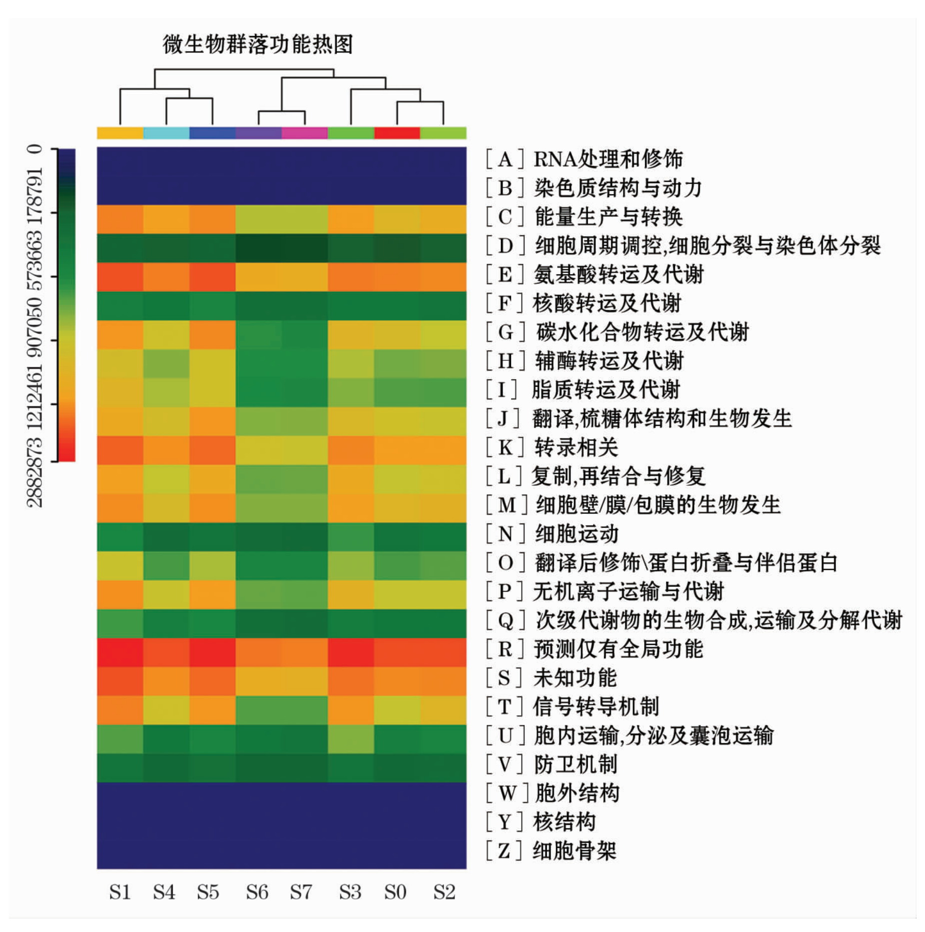


图 5　人工湿地系统水环境中微生物群落功能热图

Fig. 5　Heatmap of microbial function prediction of the water environment

2.3　多级表面流芦苇人工湿地生态系统微生物群落结构功能

为获得博斯腾湖人工湿地处理系统细菌群落功能分布,采用 PICRUSt 软件对菌群功能进行预测分析。结果表明,在水环境中(图 5),氨基酸运输和代谢(amino acid transport and metabolism)、转录(transcription)和能量产生及转换(energy production and conversion)为主要功能类群。其中,氨基酸运输和代谢占 7.70% ~ 9.01%。转录相对丰度为 6.90% ~7.75%。能量产生和转换为 5.83% ~ 6.78%。而未知功能预测(function unknown)占 7.77% ~8.42%。S6 和 S7 处的各基因功能家族丰度基本一致且最小。此外,S0 在多种功能类群中相对丰度均低于 S2 ~ S5。这与微生物群落多样性趋势相一致。

在沉积环境中(图 6),氨基酸运输和代谢、细胞壁/细胞膜/膜结构的生物发生(cell wall/membrane/envelope biogenesis)以及能量产生和转换为主要功能类群。其中,氨基酸转运及代谢占 7.36% ~8.30%。细胞壁/细胞膜/膜结构的生物发生相关的功能类群占 6.17% ~7.81%。能量产生和转换相关的功能类群占 6.06% ~7.62%。其他未知功能预测(function unknown)占 7.58% ~ 8.48%。在博斯腾湖人工湿地不同处理深度中,污水入口处(S0)各类功能类群相对丰度均处最低水平。博斯腾湖人工湿地处理系统水体及沉积环境中最主要的已知功能类群均为氨基酸运输和代谢。这是因为微生物在湿地氮去除过程中起着至关重要的作用[36-38]。

3　结 论

总体上博斯腾湖多级人工湿地沉积物中的微生物多样性和丰度高于水体。在多级湿地系统中微生物群落丰度及多样性自入口起,呈先增加后由潜流湿地排入博斯腾湖后减小。水中核心门类为变形菌门、厚壁菌门、放线菌门及浮霉菌门(Planctomycetes)。其中,变形菌整体呈上升趋势,从初始进水口

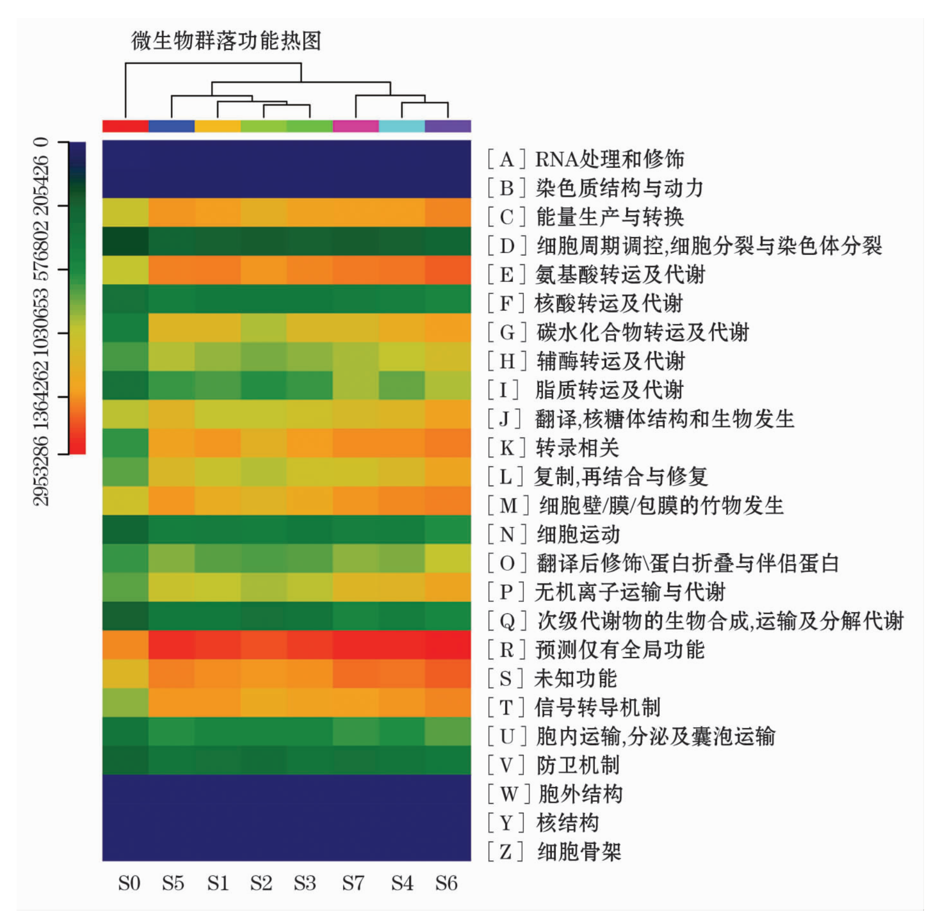


图6 人工湿地系统沉积环境中微生物群落功能热图

Fig. 6 Heatmap of microbial function prediction of the sediment

的59.11%上升至最终出水口的84.80%,而厚壁菌门类整体呈下降趋势,从24.05%降至6.83%。但厚壁菌门类细菌仍是优势菌种,这表明该门类细菌在废水处理系统中居优势地位。沉积物中变形菌门类和厚壁菌门类细菌依然占主导地位,厚壁菌门类细菌丰度也是先增加后减少,而变形菌门类细菌整体上随处理深度呈下降趋势;拟杆菌门和绿弯菌门,两者在整个处理过程中呈现出完全相反的趋势。尽管水和沉积物中优势门类细菌均为变形菌门,并且最主要的功能类群均为氨基酸运输和代谢,但微生物群落整体结构及功能不相同。

参考文献(References):

[1] 张人权,梁杏,靳孟贵,等. 水文地质学基础[M]. 第6版. 北京:地质出版社,2011:1-184. [Zhang Renquan,Liang Xing,Jin Menggui,et al. General Hydrogeology[M]. 6nd ed. Beijing:Geology Press,2011:1-184.]

[2] 熊飞,李文朝,潘继征,等. 人工湿地脱氮除磷的效果与机理研究进展[J]. 湿地科学,2005,3(3):228-234. [Xiong Fei,Li Wenzhao,Pan Jizheng,et al. Efficiency and functioning of nitrogen and phosphorous removal in constructed wetlands:a review[J]. Wetland Science,2005,3(3):228-234.]

[3] 尹炜,李培军,尹澄清,等. 潜流人工湿地的局限性与运行问题[J]. 中国给水排水,2004,20(11):81-84. [Yin Wei,Li Peijun,Yin Chengqing,et al. Application limitation and operation of subsurface flow constructed wetland[J]. China Water & Wastewater,2004,20(11):81-84.]

[4] 王晟,徐祖信,李怀正. 潜流湿地处理生活污水时的强化方法[J]. 环境科学,2006,27(12):2432-2438. [Wang Sheng,Xu Zuxin,Li huaizheng. Enhancement strategies in vertical flow constructed wetlands for domestic wastewater treatment[J]. Environmental Science,2006,27(12):2432-2438.]

[5] Meutia A A. Treatment of laboratory wastewater in a tropical constructed wetland comparing surface and subsurface flow[J]. Water science and Technology,2001,44(11-12):499-506.

[6] 李宏侠,杨晓东,吕光辉,等. 艾比湖自然保护区盐生植物的分布及其水分利用效率[J]. 干旱区研究,2018,35(2):370-378. [Li Hongxia,Yang Xiaodong,Lyu Guanghui,et al. Distribution and water use efficiency of halophytes in the ebinur lake nature reserve[J]. Arid Zone Research,2018,35(2):370-378.]

[7] 蒲佳,马龙,吉力力·阿不都外力,等. 新疆博斯腾湖表层沉积物粒度空间分布特征[J]. 干旱区研究,2018,35(2):477-485. [Pu Jia,Ma Long,Jilili Abuduwaili,et al. Spatial distribution

of grain size composition of surface sediment in the bosten jake region, Xinjiang[J]. Arid Zone Research, 2018, 35(2):477－485.]

[8] 朱长明,李均力,张新,等. 新疆博斯腾流域湿地遥感监测及时空变化过程[J]. 吉林大学学报(地球科学版),2013,43(3):954－961. [Zhu Changming, Li Junli, Zhang Xin, et al. Wetlands mapping and spatio-temporal change analysis:a case study on bosten basin, Xinjiang[J]. Journal of Jilin University (Earth Science Edition),2013,43(3):954－961.]

[9] 刘月杰. 博斯腾湖芦苇湿地生态恢复研究[D]. 北京:北京化工大学,2004. [Liu Yuejie. Study on Dcology Restroration of Phragmites Australis Wetland of the Beston Lake[D]. Beijing: Beijing University of Chemical Technology,2004.]

[10] 刘彬,王琴,张海燕. 博斯腾湖芦苇湿地生态环境现状及芦苇生物量影响因素分析[J]. 农业现代化研究,2014,35(3):335－339. [Liu Bin, Wang Qing, Zhang Haiyan. Analysis of ecological environment situation and affectiong factors of reed biomass in reed wetland of Bosten Lake in Xinjiang[J]. Research of Agricultural Modernization,2014,35(3):335－339.]

[11] 买尔哈巴·买买提汗,玉素甫江·如素力,安尼瓦尔·阿布都热依木,等. 近26 a博斯腾湖芦苇湿地的动态监测及其驱动因素[J]. 干旱区研究,2016,33(4):797－804. [Maierhaba Maimaitihan, Yusufujiang Rusuli, Anniwaer Abudureyimu, et al. Dynamic variation of phragmites austrails wetland in the bosten lake basin and its driving factors in recent 26 years[J]. Arid Zone Research, 2016,33(4):797－804.]

[12] 乔斌,何彤慧,于骥,等. 银川平原湖泊湿地不同水深梯度下芦苇种群生长特征[J]. 干旱区研究,2017,34(4):762－769. [Qiao Bin, He Tonghui, Yu Ji, et al. Growth of phragmites austrails population under different water-depth gradients in lake-wetland of the Yinchuan plain[J]. Arid Zone Research,2017,34(4):762－769.]

[13] 南忠仁,程国栋,王文瑞,等. 废水资源化与西北大开发及对策[J]. 干旱区研究,2002,19(1):12－17. [Nan Zhongren, Cheng Guodong, Wang Wenrui, et al. Reutilization of wastewater and some countermeasures for the great development of Northwest China[J]. Arid Zone Research,2002,19(1):12－17.]

[14] 陆健刚,钟燮,吴海真,等. GIS在B-IBI法评价鄱阳湖水生态系统健康性中的应用[J]. 环境工程学报,2016,10(3):1553－1559. [Lu Jiangang, Zhong Xie, Wu Haizhen, et al. Application of GIS for evaluationg ecosystem health of Poyang Lake using benthic index of biotic integrity[J]. Chinese Journal of Environmental Engineering,2016,10(3):1553－1559.]

[15] Francis C A, Beman J M, Kuypers M M M. New processes and players in the nitrogen cycle: the microbial ecology of anaerobic and archaeal ammonia oxidation[J]. The ISME Journal, 2007, 1(1):19－27.

[16] Ghosh W, Dam B. Biochemistry and molecular biology of lithotrophic sulfur oxidation by taxonomically and ecologically diverse bacteria and archaea[J]. Fems Microbiology Reviews, 2009, 33(6):999－1043.

[17] 杨晓东,吕光辉,何学敏,等. 艾比湖湿地自然保护区4种典型群落间土壤酶活性的变化[J]. 干旱区研究,2017,34(6):1278－1285. [Yang Xiaodong, Lyu Guanghui, He Xuemin, et al. Variation of soil enzyme activity among four tpical plant communities in the Ebinur Lake wetland nature reserve, Xinjiang[J]. Arid Zone Research,2017,34(6):1278－1285.]

[18] Thauer R K, Shima S. Biogeochemistry: Methane and microbes[J]. Nature,2006,440(7086):878－879.

[19] 蒋旭瑶,吉喜燕,黄德英,等. 不同植物类型复合垂直流人工湿地根系微生物群落结构的研究[J]. 农业环境科学学报,2019,38(1):176－183. [Jiang Xuyao, Ji Xiyan, Huang Deying, et al. Microbial community structure in the roots of three kinds of plants in integrated vetical flow constructed wetlands[J]. Journal of Agro-Environment Science,2019,38(1):176－183.]

[20] 陈强,王念秦. 植被和温度对水平潜流人工湿地养分去除及微生物处理的影响研究[J]. 环境科学与管理,2019,44(3):75－79. [Chen qiang, Wang Nianqin. Effects of vegetation and temperature on nutrient removal and microbial treatment of horizontal subsurface flow constructed wetland[J]. Environmental Science and Management,2019,44(3):75－79.]

[21] Ginestet C. Ggplot2: elegant graphics for data analysis[J]. Journal of the Royal Statistical Society: Series A (Statistics in Society), 2011,174(1):245－246.

[22] Asnicar F, Weingart G, Tickle T L, et al. Compact graphical representation of phylogenetic data and metadata with GraPhlAn[J]. PeerJ,2015,3:e1029.

[23] Langille M G I, Zaneveld J, Caporaso J G, et al. Predictive functional profiling of microbial communities using 16S rRNA marker gene sequences[J]. Nature Biotechnology, 2013, 31(9):814－821.

[24] 刘浩峰,刘巍,刘玉燕,等. 博斯腾湖湿地Cu、Ni和Pb的分布特征及其生态风险[J]. 干旱区研究,2017,34(2):390－394. [Liu Haofeng, Liu Wei, Liu Yuyan, et al. Distribution of Cu, Ni and Pb and ecological risk in the bosten lake wetland[J]. Arid Zone Research,2017,34(2):390－394.]

[25] Vaz-Moreira I, Nunes O C, Manaia Célia M. Bacterial diversity and antibiotic resistance in water habitats: searching the links with the human microbiome[J]. FEMS Microbiology Reviews, 2014, 38(4):761－778.

[26] Casas M E, Chhetri R K, Ooi G, et al. Biodegradation of pharmaceuticals in hospital wastewater by staged Moving Bed Biofilm Reactors (MBBR)[J]. Water Research,2015,83(5):293－302.

[27] Li W, Niu Q, Zhang H, et al. UASB treatment of chemical synthesis-based pharmaceutical wastewater containing rich organic sulfur compounds and sulfate and associated microbial characteristics[J]. Chemical Engineering Journal,2015,260(5):55－63.

[28] Hoefel D, Monis P T, Grooby W L, et al. Profiling bacterial survival through a water treatment process and subsequent distribution system[J]. Journal of Applied Microbiology,2005,99(1):175－186.

[29] Ye L, Shao M F, Zhang T, et al. Analysis of the bacterial communi-

ty in a laboratory-scale nitrification reactor and a wastewater treatment plant by 454 – pyrosequencing[J]. Water Research,2011,45(15):4390 – 4398.

[30] Chen Y,Wen Y,Tang Z,et al. Effects of plant biomass on bacterial community structure in constructed wetlands used for tertiary wastewater treatment[J]. Ecological Engineering,2015,84:38 – 45.

[31] Kjellin J,Hallin S,Wörman A. Spatial variations in denitrification activity in wetland sediments explained by hydrology and denitrifying community structure[J]. Water Research,2007,41(20):4710 – 4720.

[32] O'Brien S L,Gibbons S M,Owens S M,et al. Spatial scale drives patterns in soil bacterial diversity[J]. Environmental Microbiology,2016,18(6):2039 – 2051.

[33] Regan K,Stempfhuber B,Schloter M,et al. Spatial and temporal dynamics of nitrogen fixing,nitrifying and denitrifying microbes in an unfertilized grassland soil[J]. Soil Biology and Biochemistry,2016,109:214 – 226.

[34] 房昀昊. 人工湿地和自然湿地细菌群落结构特征比较[D]. 长沙:湖南大学,2018.[Fang Yunhao. Comparion of Bacterial Community Structure Characteristics Between Constructed Wetland and Natural Wetland[D]. Changsha:Hunan University,2018.]

[35] 王京,冉全,范百龄,等. 生物沥浸对城市污泥中重金属去除研究[J]. 江苏农业科学,2018,46(24):363 – 365.[Wang Jing,Ran Quan,Fan Bailing,et al. Study on remal of heavy metals in municipal sludge by bioleaching[J]. Jiangsu Agricultural Sciences,2018,46(24):363 – 365.]

[36] Vymazal J. Emergent plants used in free water surface constructed wetlands:A review[J]. Ecological Engineering,2013,61(19):582 – 592.

[37] Li J,Wang J T,Hu H W,et al. Changes of the denitrifying communities in a multi-stage free water surface constructed wetland[J]. Science of the Total Environment,2019,650:1419 – 1425.

[38] Li P,Zuo J,Wang Y,et al. Tertiary nitrogen removal for municipal wastewater using a solid-phase denitrifying biofilter with polycaprolactone as the carbon source and filtration medium[J]. Water Research,2016,93(15):74 – 83.

Spatial distribution of microbial communities in the wetland sewage treatment system constructed on Bosten Lake

FU Jia-hui[1,2], XUE Na-na[1,2], PAN Xiang-liang[1,3]

(1. *Xinjiang Institute of Ecology and Geography, Chinese Academy of Sciences, Urumqi* 830011, *Xinjiang, China*;
2. *University of Chinese Academy of Sciences, Beijing* 100049, *China*;
3. *College of Environment, Zhejiang University of Technology, Hangzhou* 310014, *Zhejiang, China*)

Abstract: The wetland sewage treatment system constructed on Bosteng Lake is a typical multi-level surface sewage treatment system. In this study, water and sediment samples were collected from different subsystems of this multi-level wetland sewage treatment system, and spatial distribution characteristics of microbial communities in the collected samples were analyzed via high-throughput sequencing. Results showed that microbial diversity and richness in the sediment samples were higher than those in the water samples. Moreover, richness and diversity of microbial communities increased in initial regions of the sewage inlet and decreased after discharge from the final subsurface wetland into Bosten Lake. Proteobacteria, Firmicutes, Actinobacteria, and Planctomycetes phyla were the core taxa identified in the water samples. Abundance of Proteobacteria increased from 59.11% at the inlet to 84.80% at the outlet and that of Firmicutes decreased from 24.05% at the inlet to 6.83% at the outlet. However, Firmicutes remained the dominant taxon in the studied sewage treatment system. Proteotacteria and Firmieutes phyla were the dominant bacteria in the sediment samples. Abundance of Firmieutes phyla first increased and then decreased and that of Proteotacteria decreased with increasing depth. Bacteroidetes and Chloroflexi phyla showed a completely opposite trend during the whole treatment. Although Proteobacteria, which are mainly involved in amino acid transport and metabolism, were dominant in both water and sediment samples, overall structure and function of the microbial communities varied significantly.

Key words: constructed wetland; microbial community; biodiversity; water body; sediment; Bosten Lake